



XIV Seminário de Iniciação Científica da UESC

22 a 24 de outubro de 2008



Ciências Biológicas

Cod. 119

Expressão diferencial dos fatores de transcrição da interação *Theobroma cacao-moniliophthora perniciosa*

¹Glauceca Cabral Santos, ²Maíza Alves Lopes, ³Abelmon da Silva Gesteira, ⁴Karina Peres Gramacho, ⁵Júlio Cezar de Mattos Cascardo, ⁶Fabienne Florence Lucienne Micheli.

¹Discente do curso de Biomedicina do DCB/UESC, bolsista FAPESB, E-mail: glauceca_santos@yahoo.com.br, ²Bióloga, MSc, e-mail: maizaal@yahoo.com.br, ³Professor da UESC, DSc., e-mail: abelmon@uesc.br, ⁴Pesquisadora da Ceplac, DSc., e-mail: karina@cepec.gov.br, ⁵Professor da UESC, DSc., e-mail: cascardo@labbi.uesc.br, ⁶Pesquisadora CIRAD/UESC, DSc. e-mail: fabienne.micheli@cirad.fr.

Fatores de transcrição (FT) são responsáveis pela seletividade da regulação dos genes e são geralmente expressos em tecidos, estágios do desenvolvimento ou em resposta a estímulos específicos como, por exemplo, ataque por patógenos. Com o objetivo de analisar diferenças no padrão de expressão dos fatores de transcrição da interação *Theobroma cacao-Moniliophthora perniciosa* (Mp) foi desenvolvido um macroarranjo com seqüências de fatores de transcrição selecionadas de bibliotecas de cDNA das interações resistente e susceptíveis. A expressão de diferentes genes conhecidos por pertencerem a famílias de fatores de transcrição com importante papel na modulação dos mecanismos de defesa das plantas – como bZIP, WRKY e MYB – foi analisada em diferentes fases da interação cacau-Mp. Plantas de cacau resistente (TSH1188) e susceptível (Catongo) infectados com esporos de Mp, e plantas sem inoculação foram coletadas 24h, 48h e 72 horas e 15 dias e 30 dias após a inoculação. O RNA total das plantas foi extraído e utilizado para a obtenção das sondas de cDNA através da transcrição *in vitro*. As sondas foram marcadas com *AlkPhos Direct Labelling kit*. Para o arranjo, seqüências dos fatores de transcrição identificados dentro das bibliotecas de cDNA foram transferidos para uma membrana de náilon, além de três seqüências de genes endógenos (controles positivos) e uma seqüência de DNA de fago lambda (controle negativo). As membranas foram hibridizadas com as sondas de acordo com o protocolo proposto pelo kit *AlkPhos Direct™ Detection System*. Para detecção foi utilizado *CDP-STAR™ Detection Reagent* e em seguida a membrana foi exposta a um filme de autoradiografia. A quantificação da intensidade do sinal e a análise estatística foi realizada utilizando o programa BzScan. Diferenças de expressão de genes codificando fatores de transcrição foram observadas entre genótipos de cacau resistente e susceptível, e entre plantas não infectadas e infectadas ao longo da doença. Foi observada a expressão diferencial de genes codificando fatores bZIP e WRKY. Esses fatores foram induzidos durante as primeiras 72h nas plantas resistentes, e reprimidos 15 dias após a inoculação nas plantas susceptíveis. Os diferentes níveis de expressão dos fatores de transcrição observados no macroarranjo indicam como estes genes estão envolvidos no processo de defesa da planta contra patógenos, sendo bons candidatos para subseqüentes análises funcionais.

Palavras-chave: fatores de transcrição, macroarranjo, patossistema.

Agências financiadoras: CNPq, FAPESB.